

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE AGRONOMÍA

FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA



TESIS

EVALUACIÓN DE LOS NIVELES Y TENDENCIAS DE ENDOGAMIA EN

GANADO BEEFMASTER

PRESENTA:

ROSA LETICIA ARZOLA GARZA

COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRÍA EN CIENCIA ANIMAL

MAYO, 2018

EVALUACIÓN DE LOS NIVELES Y TENDENCIAS DE ENDOGAMIA

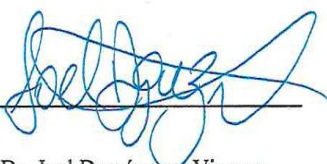
EN GANADO BEEFMASTER.

Comité de tesis

A purple ink signature, appearing to be 'ASB', written over a horizontal line.

Dr. Alejandro Sergio del Bosque González

Director

A blue ink signature, appearing to be 'Joel Domínguez', written over a horizontal line.


Dr. Joel Domínguez Viveros

Asesor Externo

A purple ink signature, appearing to be 'V. Riojas', written over a horizontal line.

Dr. Víctor Manuel Riojas Valdés

Asesor

A blue ink signature, appearing to be 'Fernando Sánchez', written over a horizontal line.

Dr. Fernando Sánchez Dávila

Asesor

AGRADECIMIENTO:

Quiero agradecer primeramente a Dios y a mis padres, la señora Leticia Garza Cavada y el señor Rodolfo Arzola Gutiérrez, por el apoyo incondicional durante mi formación profesional, por los consejos brindados, por incitarme a ser mejor tanto profesional como personal y permitirme seguir adelante con mis metas gracias a su comprensión y cariño, a mis hermanos Iliana Arzola Garza, Edgar R. Arzola Garza y Rommel A. Arzola Garza por los consejos, apoyo, confianza y cariño brindado.

Gracias a la persona que ha estado conmigo, aconsejándome, apoyándome, entusiasmandome a seguir y concluir esta meta de vida propuesta, en buenas y malas, en todo momento Emerson Cedeño muchas gracias.

A mis compañeros de generación que hoy en día se convirtieron en familia, que pasamos juntos esta difícil pero no imposible etapa gracias.

Muchas gracias a mis amigas por ser ese gran apoyo, por creer siempre en mi y nunca dejarme sola.

Agradecimiento especial al Dr. Alejandro Sergio del Bosque, por la confianza puesta en mí para la realización de este proyecto, además de su apoyo incondicional durante esta etapa, sus enseñanzas, sus consejos, la oportunidad brindada y por ser un gran ejemplo para mi, tanto como persona y profesional.

Gracias al Dr. Joel Domínguez Viveros, por la oportunidad y el apoyo durante el análisis de los datos. A la MC. Débora Garza Hernández, por la paciencia, la formación, los consejos y su apoyo. De igual manera quiero agradecer al Dr. Fernando Sánchez Dávila y al Dr. Víctor Manuel Riojas Valdés asesores de este proyecto y durante mi formación.

Muchísimas gracias al Posgrado en conjunto por la oportunidad y a CONACYT por el apoyo económico.

Gracias a todos los que estuvieron conmigo durante este ciclo, un ciclo muy importante en mi vida, sin su apoyo no hubiera sido posible la realización de este trabajo los quiero muchísimo.

INDICE DE CONTENIDO

AGRADECIMIENTO	i
INDICE DE CONTENIDO.....	ii
INDICE DE CUADROS.....	¡Error! Marcador no definido.
INDICE DE FIGURAS.....	iv
ABSTRACT	v
1 INTRODUCCIÓN	1
2 LITERATURA REVISADA	3
2.1 Historia de la raza Beefmaster.....	3
2.2 Endogamia.....	3
2.3 Usos	5
2.4 Efectos	6
2.4.1 Depresión Endogámica	7
3 JUSTIFICACION	10
4 HIPOTESIS	10
4.1 Hipótesis nula	10
4.2 Hipótesis alternativa	10
5 OBJETIVO	10
6 MATERIALES Y METODOS	11
6.1 Datos.....	11
6.2 Coeficiente de Endogamia.....	11
6.3 Parámetros Genéticos Poblacionales	12
6.4 Endogamia y Tamaño Efectivo (N_e)	12
6.5 Ancestros	13

6.6	Efecto de la Endogamia.....	13
6.6.1	Ajustes para peso al destete	14
6.6.2	Ajustes para peso al año.....	15
6.6.3	Ajustes para circunferencia escrotal.....	15
7	RESULTADOS Y DISCUSION	16
7.1	Análisis de la Genealogía en la Población Total	16
7.2	Análisis de la Genealogía en la Población de Referencia	18
7.3	Tendencia de la Endogamia a través del año de nacimiento	19
7.4	Niveles y Tendencias de Endogamia.....	20
7.5	Parámetros Poblacionales	21
7.6	Efecto de la Endogamia en Diferentes Características	22
8	CONCLUSIÓN.....	25
9	BIBLIOGRAFIA	27

INDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Ejemplos de apareamientos y porcentajes de endogamia.	4
Cuadro 2. Estadísticas descriptivas para las características	14
Cuadro 3. Niveles de consanguinidad estimados en el ganado Beefmaster de la AMB..	20
Cuadro 4. Distribución del número de animales (n) y porcentaje (%) a través de los diferentes niveles de consanguinidad.....	21
Cuadro 5. Estimación de parámetros de poblaciones en el registro genealógico del ganado Beefmaster de México.....	22
Cuadro 6. Contrastes para la covariable incluida en el modelo de análisis en las diferentes características medibles.....	24

INDICE DE FIGURAS

Figura 1. Porcentajes (%) de información genealógica en cinco generaciones de la población total del registro genealógico del ganado beefmaster de la AMB.....	17
Figura 2. Porcentajes (%) de información genealógica en cinco generaciones de la población de referencia del registro genealógico del ganado beefmaster de la AMB.....	18
Figura 3. Endogamia promedio en animales endogámicos a través del año de nacimiento (1987-2014).....	19

RESUMEN

El objetivo de este estudio fue describir los niveles y tendencias de endogamia en el ganado Beefmaster de la AMB, a través del análisis del pedigrí, con el programa MTDFRML, así como también, las estimaciones de parámetros poblacionales tales como el tamaño de población, tamaño de la población base, tamaño efectivo, número de ancestros, aportaciones porcentuales e intervalos generacionales, con la ayuda del programa ENDOG. Los datos genealógicos analizados, fueron 257,181 registros que datan desde 1967-2015. El total de sementales y madres que conformaron la información analizada fue de 256,121 con 96,531 machos y 159,590 hembras. En el pedigrí alrededor de 35% de la población no tuvo información de algún progenitor. En la información de ancestros contenida en el pedigrí se logró cinco generaciones de padres a tataratatarabuelos. La población endogámica inicio en el año de 1987, el porcentaje máximo alcanzado fue de casi 20% en 1988. En cuanto a los resultados obtenidos de consanguinidad (F), el 3.04% (7844 animales) de la población total resultó consanguínea con niveles máximos de 45.3% y un mínimo de 0.1%; el 1.92% mostraron niveles de F inferiores al 10%; el resto (1.11%) presentó niveles de F superiores al 10%. El numero de ancestros como proporción de la población de referencia fue 23.08%. El número de animales que representaron el 50% del pedigrí fueron 472. El efecto de la endogamia sobre las características analizadas fue estadísticamente significativo ($p < 0.05$) solamente para peso al destete.

ABSTRACT

The aim of this study was to describe the levels and trends of inbreeding in the Beefmaster cattle of the AMB, through the pedigree analysis and estimates of base population, effective size, reference population, number of ancestors, percentage of contribution, and generation intervals. The genealogical data analyzed, were composed of 257,181 records that dated from 1967-2016. The total number of sires and dams that made up the analyzed information was 256,121 with 96,531 males and 159,590 females. The pedigree about 35% of the population had no information from any parent. In the information of ancestors contained in the pedigree was achieved five generations of

parents to great-great-great-grandparents. The inbreeding population began in the year of 1987, the maximum percentage reached was almost 20% in 1988. Regarding the results of inbreeding (F), 3.04% (12,797 animals) of the total population was inbred with maximum levels of 45.3% and a minimum of 0.1%; 1.92% showed F levels below 10%; The rest (1.11%) had F levels above 10%. The number of ancestors as a proportion of the reference population was 23.08%. The number of animals that represented 50% of the pedigree was 472. The effect of inbreeding on the characteristics analyzed was statistically significant ($p < 0.05$) only for weaning weight.

1 INTRODUCCIÓN

La endogamia, es el resultado del apareamiento entre individuos emparentados, es decir que comparten uno o más ancestros en común, y ha probado ser un aspecto que impacta negativamente en la mayoría de las características de importancia económica de los animales domésticos, lo cual ha sido denominado *depresión por endogamia*.

En poblaciones pequeñas, las frecuencias genotípicas siguen los cambios de las frecuencias génicas resultantes del proceso dispersivo. Conforme las poblaciones divergen en frecuencia génica, también se diferencian en frecuencias genotípicas. Sin embargo, la diferenciación no es el único aspecto de cambio si no que hay un aumento en genotipos homocigóticos y por ende una disminución de los heterocigotos. La razón de este hecho es la dispersión de las frecuencias génicas desde los valores intermedios hacia los extremos. Los heterocigotos son más frecuentes en frecuencias intermedias, así es que la deriva de las frecuencias génicas hacia los extremos conduce, como promedio, a una reducción de la frecuencia de heterocigotos a este cambio se le denomina depresión por endogamia y se presenta como una reducción en el comportamiento fenotípico de características productivas y reproductivas según Falconer y Mackay, (1996).

El uso intensivo de un reducido número de animales superiores, puede reducir la diversidad genética de poblaciones. Uno de los efectos más relevantes resultantes de la reducción de la diversidad genética es la depresión endogámica, que compromete el comportamiento de los animales domésticos (Santana *et al.*, 2012).

El análisis de la información registrada en los Libros Genealógicos permite conocer de manera profunda la historia y estructura genética de las poblaciones ganaderas y de este modo ha sido ampliamente utilizada en ganado bovino (Gutiérrez *et al.*, 2003), equino (Pjontek *et al.*, 2012) y ovino (Goyache *et al.*, 2010).

La Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Beefmaster, A.C. (AMB) es miembro del Consejo Nacional de los Recursos Pecuarios, A.C. (CONARGEN), éste último teniendo como uno de sus objetivos el de promover la caracterización de los recursos

genéticos pecuarios para el incremento de la productividad, la eficiencia biológica y económica, la adaptación y sobrevivencia y variabilidad genética, en beneficio de los productores y de los consumidores nacionales e internacionales.

El CONARGEN ha solicitado a las instituciones educativas o de investigación que realizan evaluaciones genéticas, como es el caso de la Facultad de Agronomía (FA) de la UANL con la AMB, información complementaria a las evaluaciones entre las que se encuentra el presente estudio.

La FA ha realizado evaluaciones genéticas a la AMB desde el año 2003 (sumarios de sementales anuales del 2002 al 2016), sin embargo el CONARGEN, en octubre 2015, ha solicitado hacer varios estudios de los registros entre ellos el de determinar los niveles y tendencias de endogamia.

2 LITERATURA REVISADA

2.1 Historia de la raza Beefmaster

Desde su principio, el ganado Beefmaster se crió y desarrolló de modo que diera buenos resultados bajo condiciones ganaderas prácticas. Esta raza se ha desarrollado específicamente para rendir excelentes resultados en elementos esenciales: peso, conformación, fertilidad, producción de leche, mansedumbre y rusticidad. Los miembros de la AMB continúan adhiriéndose a estas "**6 Esenciales**" en sus programas de cría y administración (AMB 2015).

La AMB utiliza estos importantes elementos en la preparación de sus programas para mejorar la raza de ganado de registro por la AMB. El ganado Beefmaster ha llegado a ser reconocido como el "**ganado de los ganaderos**" (AMB 2015).

El ganado Beefmaster se desarrolló en el Sur de Texas, en condiciones similares a las que existen en partes de México. Se deriva del ganado Brahman, Hereford y Shorthorn. El departamento de la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA) reconoció la raza Beefmaster como una raza de pura sangre en 1970 (AMB 2015).

2.2 Endogamia

La endogamia es el resultado de practicar cruzamientos entre individuos emparentados, es decir, que comparten uno o más ancestros en común. Entre más cercano sea el parentesco entre dos animales, mayor es el porcentaje de endogamia en la progenie resultante (Ralls *et al.*, 2013), es decir, si se aparean padres-hijos es mayor el grado de endogamia ya que la carga genética de un hijo procede en el 50% de la madre y 50% del padre.

Se puede clasificar en endogamia estrecha (resultado del apareamiento de hermano con hermana, de padre con hija y de hijo con madre) y la endogamia familiar (resultado de la unión entre medios hermanos, primos entre sí, tíos con sobrinos, etc.) (Benjumea Marín *et al.*, 2010).

Cuadro 1. Ejemplos de apareamientos y porcentajes de endogamia.

Relación	Proporción	Porcentaje
Padre-cría ó madre- cría	1/2	50%
Abuelo-nieto	1/4	25%
Hermanos completos	1/2	50%
Medios hermanos	1/4	25%
Padre-nieta	1/8	12.5%
Hijo de un padre- nieto del padre	1/16	6.25%
Bisabuelo-bisnieto	1/8	12.5%

La endogamia surge mediante:

- a) Apareamiento dirigido (metodología zootécnica).
- b) En poblaciones con apareamientos al azar (poblaciones pequeñas aumentan el riesgo de co-selección de parientes).
- c) Apareamientos masivos, usando pocos sementales para cubrir a un gran número de hembras.

El porcentaje de parentesco entre los individuos depende entre otras cuestiones del tamaño de la población, o del número de ancestros en común, a menor tamaño, menor es el máximo número posible de antepasados independientes. Estos individuos emparentados pueden llevar copias exactas de uno de los genes de un antepasado en común y si se cruzan pueden pasar ambos genes a su progenie el cual sería homocigoto para genes idénticos por descendencia (Weller, 2009).

Previo a la meiosis, el ADN se duplica (genera alelos idénticos) y a partir de una célula sexual diploide se generan cuatro gametos haploides (óvulos o espermatozoides). Esos alelos provenientes de uno o varios ancestros comunes, pueden volver a juntarse en un individuo o reproductor.

El coeficiente de endogamia (simbolizado con la letra F) se utiliza para medir el parentesco entre padres y se define como la probabilidad de que los dos alelos de un mismo gen sean idénticos por descendencia, dicho en otras palabras, es el porcentaje de pares de genes homocigóticos que el individuo posee por encima del promedio

poblacional “normal”, es decir si no existiese el apareamiento entre parientes (Benjumea Marín *et al.*, 2010). En la población base, $F=0$, en generaciones posteriores, F expresa el cambio ocasionado por el proceso de endogamia, y para realizar esta fórmula se necesita del registro genealógico de los animales.

$$F_x = \sum (\frac{1}{2})^n (1+F^A)$$

n = Número de individuos que conectan los padres del individuo X con el ancestro común, incluyendo también el padre y la madre de ese individuo del cual queremos calcular la endogamia.

F^A = Es la endogamia propia de cada ancestro común. Cada ancestro común tiene su propia endogamia (que debemos incluir).

2.3 Usos

“Linebreeding” es una forma de endogamia y se refiere al apareamiento de animales relacionados con un animal en particular, esto con el fin para mantener o incrementar las características propias del mismo en sus descendientes y, debido a que la consanguinidad puede otorgar pares de genes homocigotos deseables, los productores la usan a beneficio para obtener de esta forma animales superiores y homogenizar la población con características deseables (Yang, 1998; Lush, 1968), es decir, características económicamente importantes en la producción ganadera.

La endogamia promueve un aumento de la pre-potencia, que es la capacidad de un individuo para transmitir sus características de forma consistente. Esta pre-potencia resulta del aumento de la homocigocidad.

Dado que un individuo endogámico tendrá más pares de genes homocigóticos que un individuo no endogámico, hay menos combinaciones de genes posibles para los espermatozoides u ovocitos. Como resultado, la descendencia debe ser más similar entre sí (Northcutt *et al.*, 2006).

Por otro lado, la endogamia, además permite probar experimentalmente que un individuo no sea portador de genes letales (genes que producen defectos productivos y/o reproductivos e incluso pueden llevar al animal a la muerte) o anormalidades genéticas.

Y otro de los usos más comunes e importantes es en el desarrollo de líneas puras a través de las generaciones, dicho trabajo se hace fijando las características propias de cada raza.

Se conoce bien el efecto complementario, del vigor híbrido resultante del cruce entre líneas consanguíneas o entre razas y variedades diferentes que es un medio importante de mejorar plantas y animales. Uno de los fines del incremento de la endogamia es la producción de líneas para su cruzamiento posterior y el aprovechamiento consecuente del vigor híbrido, es decir, la eficiencia biológica perdida por endogamia tiende a ser restaurada por cruzamiento. Por otro lado el incremento de la endogamia se utiliza también como producción de líneas genéticamente uniformes (animales de laboratorio) para su uso en ensayos biológicos e investigación. (Falconer y Mackay, 1996).

2.4 Efectos

La endogamia es considerada como un arma de doble filo, por sus beneficios y por los efectos negativos, por lo que su análisis es de gran interés en la investigación (Reis Filho *et al.*, 2015), ya que existen diversos estudios en donde han demostrado una repercusión negativa en características reproductivas y productivas con el aumento de solo una unidad porcentual de endogamia en la población de ganado (Carolino *et al.*, 2008; Davis *et al.*, 2014; Filho *et al.*, 2015; Kjöllérström *et al.*, 2015; Shengchao *et al.*, 2015).

El principal efecto que tiene y del cual derivan los demás es el aumento en la homocigocidad, es decir, un aumento en el número de loci homocigotas tanto dominantes como recesivos en los individuos consanguíneos, y un incremento en la frecuencia de genotipos homocigotas en una población consanguínea.

La homocigosis no aumenta el número de genes recesivos pero provoca que se expresen fenotípicamente, tampoco descubre genes dominantes pero si aumenta las posibilidades

de que los animales portadores de genes dominantes sean homocigotos. Fisiológicamente hablando, los genes dominantes tienen por lo regular un efecto favorable al contrario del efecto de los genes recesivos, el cual es desfavorable y su eliminación debe resultar con un aumento de la frecuencia de genes dominantes favorables para una población. Por lo que resulta costoso para el criador ya que se rechazan muchos animales (Anon, 2017).

Entre los beneficios que ofrece la endogamia se encuentra la fijación de caracteres deseables (Shengchao Dai *et al.*, 2015) (Gipson, 2002), como consecuencia de la homocigocidad causada por la endogamia ocurre lo que llamamos como prepotencia en los individuos, que quiere decir que este individuo tiene la habilidad de producir progenie cuyo comportamiento, es especialmente parecida a la propia y/o es especialmente uniforme y esto será posible con caracteres de alta heredabilidad.

Otro beneficio es probar que un toro no sea portador de genes deseables (genes que provocan anormalidades genéticas e incluso la muerte) (Benjumea Marín *et al.*, 2010) debido a que se incrementa la incidencia de la expresión de genes recesivos indeseables y al combinar esto con selección eliminaríamos esos genes de la población evitando que se propaguen y que la población sea propensa de expresarlos en algún momento.

2.4.1 Depresión Endogámica

El efecto negativo más importante debido a una alta endogamia es la repercusión en las características de importancia económica tales como crecimiento, producción, reproducción, salud y aptitud (Mokhtari *et al.*, 2013) A esto se le denomina ***depresión por endogamia***.

La depresión por endogamia es la declinación en el valor de una característica como consecuencia directa de la endogamia (Wright, 1977).

La variabilidad genética se puede definir como: la habilidad genética para variar, y por ende, la capacidad a responder a variaciones de tipo ambiental o cambios en los objetivos de selección. Los animales con endogamia suelen tener menos flexibilidad

para enfrentarse a los cambios ambientales, haciéndose más frágiles y susceptibles, y esto debido a la pérdida en la variabilidad genética. (Grijalva-Chon, J. *et al.*, 2013)

Factores externos como año / estación de nacimiento, sexo, tipo de nacimiento y edad de la madre deben ser considerados para cuantificar la contribución genética a los rasgos evaluados (Barros *et al.*, 2017).

Existen muchos estudios que se han realizado alrededor del mundo y con diferentes especies animales tanto domesticas como silvestres, y han demostrado que a cierto porcentaje de endogamia en la población se ven afectadas diferentes características.

Mokhtari *et al* (2013) evaluaron el efecto de la endogamia en la oveja negra de Irán y reportaron, que por cada unidad porcentual de aumento en la endogamia se redujeron diferentes características tanto en corderos como en ovejas. En ovejas, el peso al nacimiento, peso al destete, suma de los pesos de nacimiento y destete en corderos por oveja parida resultó con una disminución de -6.39 g, -23.31 g, -13.91 g y -130.07 g respectivamente. Y en corderos se vio afectada la característica de peso al nacimiento con una reducción de - 2.63 g.

En un estudio que se realizó en las cabras Cashmere de Mongolia, obtuvieron que características como peso corporal (a partir de 12.5% de F), longitud de la fibra y diámetro de fibra (-0.003µm), se vieron afectadas a cierto porcentaje de endogamia presente (Sengchao *et al.*, 2015).

También se han realizado numerosos estudios en caballos, Kjöllström *et al* (2015), demostraron un efecto negativo en caballos de la raza Sorraia en cuanto a fertilidad tanto en sementales como en yeguas siendo significativo solamente en sementales con una declinación de casi 0.8% cuando la endogamia se incrementaba 1%.

Sevinga *et al* (2004), realizaron un estudio sobre el efecto de la endogamia en la retención de placenta en caballos de la raza Frisian, en el cuál observaron que la incidencia de retención de placenta a partir de 5% de endogamia era de 0.2-1.

Dependiendo del nivel de endogamia, con el aumento de 1%, Filho *et al* (2015) observaron repercusión negativa en ganado Gyr en las características de rendimiento de leche, lactosa, grasa, total de sólidos, días en leche (305-d).

Carolino *et al* (2008), trabajaron con ganado de carne, evaluando la depresión endogámica en ellos y obtuvieron resultados desfavorables en intervalo entre partos, edad al primer parto, relación alimento/ganancia, y por cada aumento en unidad porcentual reportaron -0.02, -0.2 y casi -1 kg en terneros producidos, meses de longevidad, peso maduro, respectivamente.

En el 2014 se trabajó con ganado bovino de la raza Angus, en ellos analizaron el efecto que tenía la endogamia en características como la concentración de factor de crecimiento insulínico tipo I, estas concentraciones fueron medidas a los días 28, 42, 56 y 140 postdestete y observaron y un decremento en estas de 0.62, 1.86, 1.92, y 1.48 ng/mL por cada 1% de incremento en la endogamia en becerros, siendo significativas a los días 42 y 56 (Davis *et al.*, 2014).

3 JUSTIFICACION

La AMB a la fecha cuenta con más de 248,000 registros de animales nacidos desde 1970, por lo que realizar un análisis de los niveles de endogamia existentes en la población registrada actualmente y su impacto que ha tenido en las características de producción de carne, y el coeficiente de parentesco entre los sementales sobresalientes en cuanto a su contribución genómica en la AMB, proporcionaría información relevante para la futura selección de sementales y vientres de reemplazo.

4 HIPOTESIS

4.1 Hipótesis nula

Los niveles de consanguinidad en el ganado Beefmaster de la AMB no afectan los criterios de selección para variables de crecimiento (peso corporal al nacer, al destete y/o al año de edad).

4.2 Hipótesis alternativa

Existen actualmente niveles de endogamia significativa en el ganado de la AMB que afectan los pesos corporales medidos a diferentes edades.

5 OBJETIVO

El objetivo del presente estudio fue describir los niveles y tendencias de endogamia en el ganado Beefmaster de la AMB, analizando los datos de la genealogía almacenada en sus bases de datos. Así como también estimar algunos parámetros genético-poblacionales que nos ayudaran a conocer su estructura genética.

6 MATERIALES Y METODOS

6.1 Datos

La base de datos de la AMB a junio del 2015 contó con 248,552 registros de los cuales se logró establecer un pedigrí válido de 257,230 individuos en la última evaluación genética realizada en noviembre de 2015, con 15,735 animales base, es decir, animales que no tienen identificación de progenitores. Las edades de los animales variaron de 2 hasta 28 años de edad pertenecientes a diferentes grupos contemporáneos.

El nivel de integridad del pedigrí, se puede inferir por medio de diferentes parámetros, como el número de generaciones, ya sean completas, máximas trazadas y completas equivalentes, por otra parte se obtiene calculando la proporción de padres, abuelos y tatarabuelos conocidos (Boichard *et al.*, 1997, Gutiérrez *et al.*, 2005, Gutiérrez *et al.*, 2003).

El número de generaciones máximas trazadas, es definido como aquellos que separan a los descendientes de la generación más alejada donde se conocen los antepasados de 2^g del individuo.

El número de generaciones completas equivalentes es el número de generaciones que separan al individuo de su antepasado más distante y se calcula como la suma de todos los ancestros conocidos de los términos calculados como la suma de $(1/2)^n$, donde n es el número de generaciones que separan al individuo de cada antepasado conocido (Maignel *et al.*, 1996).

Este análisis se realizó mediante el software ENDOG v4.0 (Gutiérrez y Goyache, 2006), luego de hacer la edición de datos mediante el programa Ordenar Pedigree. Java (A. S. del Bosque, Personal communication).

6.2 Coeficiente de Endogamia

Los cálculos de los coeficientes de endogamia de cada individuo se realizaron a través de los resultados de la matriz de parentescos obtenida a partir de la subrutina MTDFNRM del programa MTDFREML (Boldman, *et al.*, 1995).

6.3 Parámetros Genéticos Poblacionales

Las estimaciones de población base, tamaño efectivo de la población, endogamia promedio esperada, número de animales en la población de referencia (nacidos del 2000-2015 con datos productivos), número efectivo de ancestros, ancestros que explican el 50 del pedigrí y aportaciones porcentuales se obtuvieron con el programa ENDOG v4.0 (Gutiérrez y Goyache, 2006).

6.4 Endogamia y Tamaño Efectivo (N_e)

El Coeficiente de Endogamia (F) se define como la probabilidad de que un individuo tenga dos alelos idénticos por descendencia, uno proveniente del padre y otro de la madre, y se calcula siguiendo a Meuwissen y Luo (1992). El aumento de la endogamia (ΔF) se calcula para cada generación por medio de la fórmula clásica:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

Dónde F_t y F_{t-1} es la endogamia media en la i -ésima generación.

La siguiente formula es para determinar la endogamia ajustada el numero de generaciones (Falconer y Mackay, 1996).

$$F_t = \frac{1}{2N} + \left(1 - \frac{1}{2N}\right) F_{t-1}$$

El tamaño efectivo de la población (N_e), es el tamaño poblacional que es relevante en términos evolutivos, es decir, el número de individuos reproductivos, ya que son estos los que contribuyen a la siguiente generación en términos demográficos y sobre todo genéticos (Wright, 1969).

El N_e se obtiene mediante la siguiente fórmula:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

Para cada generación que tenga $F_t > F_{t-1}$ y así caracterizar aproximadamente el efecto de la endogamia remota y cercana.

Fórmula clásica cuando el número de machos y hembras reproductivas son diferentes:

$$N_e = \frac{4 N_m N_f}{N_m + N_f}$$

Donde N_m y N_f es el número de machos y hembras respectivamente.

6.5 Ancestros

A) Numero efectivo de fundadores (f_e): es el número de contribuyentes iguales que se espera que produzcan la misma diversidad genética que en la población estudiada. Se calcula como:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q^2 k}$$

En donde $q^2 k$ es la probabilidad de origen del gen de k ancestro.

B) Numero efectivo de ancestros (f_a): es el mínimo número de ancestros fundadores necesarios para explicar la diversidad genética de la población bajo estudio. Y se calcula de la siguiente manera:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q^2 j}$$

En donde q_j es la contribución marginal de j ancestro. Que es la contribución genética hecha por un antepasado que no se explica por otros antepasados elegidos antes.

6.6 Efecto de la Endogamia

En este estudio se trabajó con 5 características: peso al nacimiento, peso al destete, ganancia de peso diaria, peso al año y circunferencia escrotal, datos productivos proporcionados igualmente por la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Beefmaster, se proporcionó un total de 99,092 registros de animales con datos productivos de los cuales 52,350 son hembras y 46,742 son machos. Se utilizaron los pesos al nacimiento y la ganancia de peso pos-destete original y para las características

restantes se ajustaron las medidas. El cuadro 2 describe estadísticamente los datos productivos utilizados en este análisis.

Cuadro 2. Estadísticas descriptivas para las características

	PN	PD (AJ)	GPPD	PA (AJ)	CE (AJ)
Media	32.69	233.07	0.65	337.43	28.61
Mediana	32	230.43	0.62	333.16	31.97
Moda	30	235	0.67	300	0
	3.90	36.72	0.32	61.24	10.74
Desviación estándar					
Mínimo	20	92.44	-0.69	141.30	0
Máximo	58	459.2	4.06	871.56	47.85
Rango	38	366.76	4.74	730.26	47.85
Cuenta	99092	99092	99092	99092	46742

Simbología: PN= peso al nacimiento, PD= peso al destete, GPPD= ganancia de peso pos-destete, PA= peso al año, CE= circunferencia escrotal.

Los análisis del efecto de la endogamia sobre las características de producción se realizaron con la subrutina MTDFRUN del programa MTDFREML (Boldman, *et al.*, 1995).

Las características se analizaron de forma univariada con un modelo animal que considera los efectos fijos de grupo contemporáneo (año, época de nacimiento, sexo) y las co-variables lineales y cuadrática de edad de la madre para peso al nacimiento y al destete y endogamia del individuo como co-variable lineal para todas las características (Domínguez *et al.*, 2010). Los efectos aleatorios incluidos fueron el efecto genético y el error.

6.6.1 Ajustes para peso al destete

El peso al destete se ajustó a la edad de 205 días (7 meses) conforme a la siguiente fórmula:

$$P_{205} = \left\lfloor \frac{(PD - PN)}{Edad \text{ en Días}} \times 205 \right\rfloor + PN + Ajuste \text{ Edad Materna}$$

6.6.2 Ajustes para peso al año

El peso al año se ajustó conforme a la siguiente fórmula:

$$P365 = |GPPDX160| + P205$$

6.6.3 Ajustes para circunferencia escrotal

La Circunferencia Escrotal se ajustó conforme a lo recomendado por la BIF (2003) como sigue:

$$CE365 = CEREal + [|365 - Edad| \times \text{Factor de Ajuste por Edad}]$$

Donde la edad se expresa en días. El factor de ajuste por edad depende de la raza, oscilando entre 0.0305 a 0.0708 (BIF, 2003). Se tomó el de 0.0305.

7 RESULTADOS Y DISCUSION

7.1 Análisis de la Genealogía en la Población Total

El total de sementales y madres que conformaron la información analizada fue de 256,121. En el pedigrí alrededor de 35% de la población no tuvo información de algún progenitor. En la información de ancestros contenida en el pedigrí se logró cinco generaciones de padres a tataratatarabuelos. En este análisis pudimos observar una importante reducción en el contenido de información de ancestros, siendo más evidente en las líneas a través de los machos.

El 66.8% de los animales tuvieron el padre identificado, mientras que el 85.5% de los animales tuvieron identificación de la madre, esta diferencia puede deberse a que por lo regular los becerros andan con su madre, por lo tanto para el personal que lleva a cabo este trabajo la identificación de esta resulta más fácil.

A partir de la tercera generación (bisabuelos) empezó a disminuir el porcentaje de individuos conocidos con menos del 52% llegando a un 1.05% en la quinta generación (Figura 1). Estos resultados difieren con los encontrados en un estudio similar que se realizó en toros de lidia (Domínguez Viveros *et al.*, 2012) en donde la reducción de información fue más notoria por las líneas a través de las hembras mencionando que esto puede deberse y explicarse por la buena calidad de pedigrí de los sementales de registro.

Se sabe que por lo general, la información de ancestros conocidos es similar en ambos sexos, sin embargo como se observó en este estudio y en otros se ha encontrado diferencias entre sexos, Gutiérrez *et al.* (2003) y Santana *et al.* (2012) encontraron mayor proporción de ancestros conocidos en las líneas a través de los machos.

Tatara...	Tatarabuelos	Bisabuelos		
1.05%	3.17%	12.08%		
1.15%			Abuelo	
1.03%	3.29%		41.47%	
1.21%				
1.42%	4.51%			
1.51%		13.19%		
1.22%	3.83%			Padre
1.64%				66.88%
1.72%	7.34%			
1.73%		20.45%		
2.56%	8.24%		Abuela	
3.89%			44.77%	
4.13%	10.28%			
4.24%		29.19%		
3.19%	11.40%			
5.91%				256 121
2.04%	6.19%			
2.07%		23.71%		
2.23%	6.78%		Abuelo	
2.93%			47.59%	
2.96%	9.31%			
3.49%		26.44%		
2.52%	8.17%			Madre
4.06%				85.50%
3.03%	12.15%			
3.25%		28.52%		
3.63%	13.64%		Abuela	
6.05%			71.33%	
5.19%	14.53%			
5.72%		52.97%		
4.11%	21.52%			
8.73%				

Figura 1. Porcentajes (%) de información genealógica en cinco generaciones de la población total del registro genealógico del ganado beefmaster de la AMB.

La tasa de genealogías conocidas refleja tanto la contribución de los animales inscritos en los libros genealógicos, como la calidad de la información reconocida en ellos (Boichard *et al.*, 1997).

El grado de integridad del pedigrí permite determinar el nivel de ajuste de todos los cálculos genéticos que requieren el uso de los árboles genealógicos (Domínguez Viveros., 2012), por lo que la falta de información en el pedigrí de los animales puede limitar la implementación de programas de mejoramiento genético con base en evaluaciones genéticas, ya que los resultados se ven sesgados por la falta de información.

7.2 Análisis de la Genealogía en la Población de Referencia

Tataratatarabuelos	Tatarabuelos	Bisabuelos		
1.92%	5.07%	20.05%		
2.13%			Abuelo	
1.94%	5.27%		65.00%	
2.29%				
2.65%	8.00%			
2.86%		21.97%		
2.32%	6.22%		Padre	
3.11%			92.36%	
3.22%	13.39%			
3.24%		35.62%		
4.84%	15.04%		Abuela	
7.44%			68.94%	
7.76%	18.91%			
7.95%		49.93%		
6.06%	20.40%			
11.18%				130 475
3.69%	10.87%			
3.72%		39.89%	Abuelo	
4.25%	12.06%		74.86%	
5.59%				
5.67%	17.06%			
6.61%		44.72%		
4.82%	14.53%		Madre	
7.78%			98.81%	
5.61%	21.74%			
6.04%		48.29%		
6.91%	24.61%		Abuela	
11.57%			96.22%	
9.72%	25.96%			
10.73%		83.01%		
7.71%	36.92%			
16.31%				

Figura 2. Porcentajes (%) de información genealógica en cinco generaciones de la población de referencia del registro genealógico del ganado beefmaster de la AMB

El total de animales que conformaron la población de referencia fue de 130, 475. En la figura 2 podemos observar que cerca del 100% de la población tuvo información genealógica, sin embargo, se obtuvo la misma tendencia en las líneas a través de los machos.

7.3 Tendencia de la Endogamia a través del año de nacimiento

En la figura 3, se muestra como se dio el comportamiento del porcentaje de endogamia en animales endogámicos con relación al total de animales registrados por año, la tendencia de endogamia mostró un decremento progresivo en una forma cuadrática conforme el paso de los años. Se puede observar que la población endogámica inició a partir del año de 1987 con un 12.5% y en 1988 aumento notoriamente con un 19.64% siendo este el porcentaje de endogamia promedio por año más alto. La pendiente de la endogamia muestra que a medida que se fue realizando el registro de animales a la Asociación fue aumentando el porcentaje de individuos endogámicos llegando al punto máximo en el año 2014 con un 16% aproximadamente.

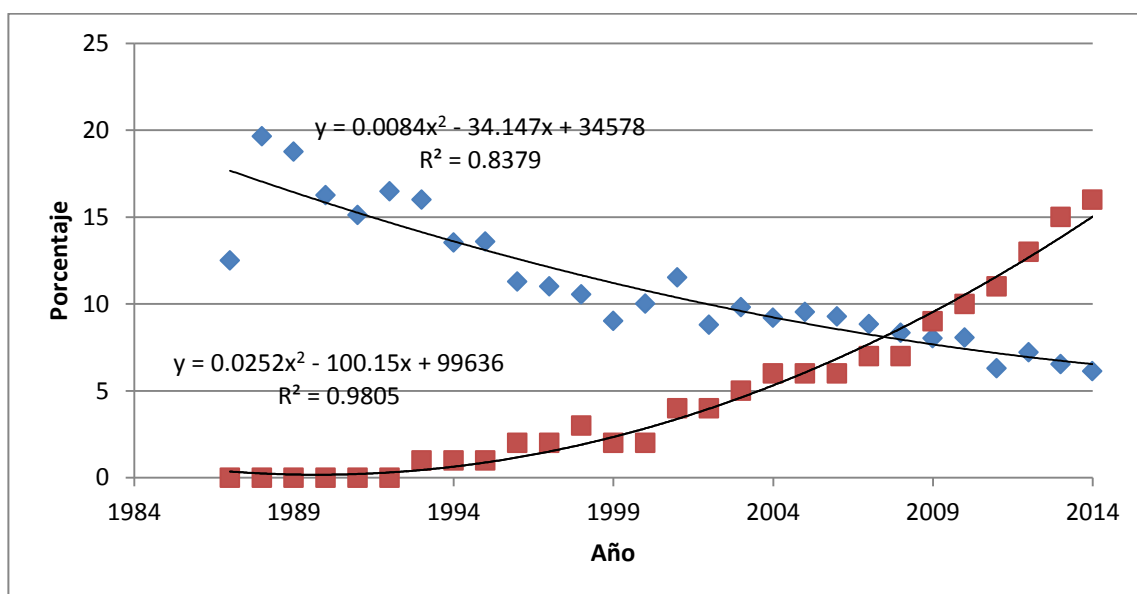


Figura 3. Endogamia promedio (◇) en animales endogámicos (□) a través del año de nacimiento (1987-2014).

Si bien, el porcentaje de endogamia fue disminuyendo con el paso de los años lo que puede deberse a la introducción de sangre nueva a la población, animales que no tienen parentesco con los animales base o no se registraron sus genealogías por desconocimiento, sin embargo, podemos observar que son niveles altos, dando a entender que se tiene que seguir trabajando en el control de apareamientos y en la introducción de nuevos animales como reproductores.

7.4 Niveles y Tendencias de Endogamia

En cuanto a los resultados obtenidos de endogamia (F) (Cuadro 3), el 3.04% (7844 animales) de la población total resultó consanguínea con niveles individuales máximos de 45.3% y un mínimo de 0.1%, En la población consanguínea, la F promedio fue de 9.28%, similarmente al promedio de consanguinidad encontrado en un estudio con toros de lidia mexicano (Domínguez Viveros *et al.*, 2010) en donde en una ganadería se encontró el 8.18%.; la mayoría (1.92%) mostrando niveles de F inferiores al 10% (Cuadro 4); el resto (1.11%) presentó niveles de F superiores al 10%, solo 8 animales llegaron al último nivel (>40).

Cuadro 3. Niveles de consanguinidad estimados en el ganado Beefmaster de la AMB.

Característica	Animales
Consanguinidad promedio de la población total, %	0.283
Consanguinidad individual máxima, %	45.3
Nº de animales consanguíneos	7844
Porcentaje de animales consanguíneos	3.04
Consanguinidad promedio de los animales consanguíneos, %	9.28

Este nivel de consanguinidad y la población consanguínea pudiera ser mayor en realidad, ya que el resultado depende de la integridad de la genealogía y, como ya se ha comentado anteriormente, se encontró un número importante de animales con padres no identificados (población base) a los cuales se les asignó un coeficiente de endogamia cero incluso si están relacionados de alguna manera, esto aunado a la gran cantidad de datos analizados de animales con fechas de nacimiento desde hace mas de 40 años (1970-2015). Sin embargo a pesar de que fueron pocos los animales que conformaron la población con endogamia, el porcentaje presente en ellos es muy alto, son 8 los que están en el ultimo nivel ($F > 40$) de los cuales 5 son hembras y 3 son machos con edades aun productivas.

Sería interesante y muy recomendado seguir este análisis tomando en cuenta ciertos criterios, con el fin de llevar este resultado a lo más real posible y en base a esto seguir un plan adecuado de selección y mejoramiento genético en esta población de bovinos.

En una población, la consanguinidad surge por diferentes causas como ya lo mencionado en capítulos anteriores, cabe mencionar que la falta de identificación numérica de animales dentro del hato, la ausencia de registros de parentesco o genealógicos o información errónea de estos, producción de toros de reemplazo dentro de la misma unidad de producción, uso de los toros por más de dos años, compra de animales (machos y hembras) de reemplazo en la misma unidad de producción, ausencia de cercas y fallas en el mantenimiento de las mismas y la separación post-destete tardía de las hembras y machos (Florio, 2017).

Cuadro 4. Distribución del número de animales (n) y porcentaje (%) a través de los diferentes niveles de consanguinidad.

Niveles de F (%)	n	%
0	249386	96.95
$0 < F \leq 10$	4963	1.929
$10 < F \leq 20$	1341	0.521
$20 < F \leq 30$	1459	0.567
$30 < F \leq 40$	73	0.028
$F > 40$	8	0.003

7.5 Parámetros Poblacionales

La población base (al menos un padre conocido y efecto fundador) representó el 58% de la población total (Cuadro 5), es decir un poco más de la mitad de la población no contó con información de algún progenitor, lo que pudo sesgar el resultado del coeficiente de endogamia al no tener información de cada individuo. Los niveles altos de endogamia encontrados se pueden atribuir al reducido número de ancestros que explicaron el 50% del pedigrí, tal es el caso que solo 472 animales de la población total representan este parámetro. Este resultado concuerda con lo encontrado en un estudio con 8 razas de bovinos (Gutiérrez *et al.*, 2003).

En cuanto al número de ancestros que dan origen a la población de referencia (animales nacidos del 2000-2015), se observó que alrededor del 24% de la población representó este resultado. Número de efectivo de ancestros es el número mínimo de antepasados, fundadores o no, y que es necesaria para explicar la diversidad genética completa de la población estudio (J.P. Gutiérrez *et al.*, 2002), en este caso fueron 514 los que

representaron este parámetro. Estos parámetros explican cómo el uso abusivo de ciertos animales como reproductores puede conducir a una reducción considerable del stock genético.

En cuanto a la población de referencia el número de ancestros fue de 28 918, el número efectivo de ancestros resultó con 514.

Tan solo en la Población de referencia que son animales nacidos del 2000-2015 con datos productivos, se obtuvo que 406 de 472 (en la población total) explican el 50% del pedigrí lo que podría deberse a que cuando se empezó a medir, los productores empezaron a ser uso de los animales superiores objetivamente aumentando de esta manera los cruzamientos entre parientes.

Cuadro 5. Estimación de parámetros de poblaciones en el registro genealógico del ganado Beefmaster de México.

Parámetro	Población total (n)
Tamaño de la población	256 121
Población base (al menos un padre conocido)	87 868
Población base (efecto fundador) [§]	60 983
Tamaño efectivo de la población base	1 146
Consanguinidad promedio esperada (%) ^Ω	0.04
Número de animales en la población de referencia ^Ψ	130 475
Nº de ancestros ^π	30 117
Nº efectivo de ancestros	514
Nº de ancestros que explican el 50%	472
[§] Número de individuos fundadores que, contribuyendo en igual medida, producirían la diversidad genética existente en la población.	
^Ω Según representación de fundadores.	
^Ψ Población de referencia que considera a los animales nacidos en los últimos 16 años.	
^π Que dan origen a la población de referencia.	

7.6 Efecto de la Endogamia en Diferentes Características

En la Cuadro 6 podemos observar los coeficientes de regresión para la covariable endogamia, se muestra que para la característica peso al destete el resultado fue estadísticamente significativo ($p < 0.05$) en cambio para las otras características podemos observar un resultado no significativo, es decir, que la endogamia no tiene efecto sobre ellas.

Carrillo y Siewerdt (2014) reportaron impacto negativo en peso al destete a demás de peso al nacimiento con una acumulación de endogamia menor a 6%, pero debemos tomar en cuenta que en este estudio el 78.5 % de la población fue consanguínea, pudiendo así atribuir nuestros resultados a que el porcentaje de animales con endogamia en nuestra población de estudio es muy bajo, lo que nos indica que se ha tenido un correcto control en el sistema de apareamiento de estos animales.

Burrow (1998) reportó en otras razas de bovinos de carne, reducciones en diferentes características a partir de una unidad porcentual de incremento en la endogamia con un valor de $p < 0.001$ para peso al destete y peso al año así como también diferencia significativa en circunferencia escrotal con un valor de $p < 0.05$.

El resultado en peso al destete nos indica un efecto positivo, es decir, por cada una unidad porcentual de incremento en la endogamia hay un aumento de 4.5 kg en peso al destete, lo que resulta favorable e inesperado pero no fuera de lo común ya que como se menciono en secciones atrás, la endogamia es considera un arma de doble filo.

Este resultado tiene similitud con un estudio que se realizo en toros de lidia mexicano, en donde el efecto de la consanguinidad fue significativo ($p < 0.05$) en dos ganaderías, que mostraron aumento en la calificación en las notas de tienta conforme los niveles de consanguinidad del animal fueron mayores (Domínguez Viveros *et al.*, 2012).

Este resultado nos indica un concepto contrario a la depresión endogámica, lo que podría mostrarnos un efecto de heterosis, ya que la raza beefmaster es una raza sintética compuesta originalmente por tres razas especializadas: 50% brahman, 25% hereford y 25% shorthorn, la heterosis es un fenómeno que se presenta en la progenie del apareamiento de diferentes razas y según Falconer y Mackey (1996) esta heterosis, también llamado vigor híbrido el cual se estima se debe al efecto de dominancia cuando alelos de diferente raza de origen se encuentran en el mismo locus produciéndose esta epistasis o interacción, en razas especializadas no sintéticas es posible que la depresión por endogamia sea más significativa. La heterosis influye fuertemente en características relacionadas con la fertilidad, salud entre otras características que por lo general tienen baja heredabilidad (Gama *et al.*, 2013).

Cuadro 6. Contrastes para la covariable incluida en el modelo de análisis en las diferentes características medibles.

Peso al nacimiento	-0.141±0.424
Peso al destete	4.515±0.424*
Ganancia de peso pos destete	-0.104±0.423
Peso al año	-18.99±0.422
Circunferencia escrotal	-0.129±0.652

8 CONCLUSIÓN

De acuerdo con los resultados obtenidos de la integridad del pedigrí, se recomienda para próximos estudios tratar de obtener una información completa y correcta, para que de esta manera no exista un posible sesgo en los resultados. Es importante corregir de raíz los errores que se obtuvieron.

Es indispensable tener una genealogía íntegra ya que de esto dependerá en gran medida el resultado de endogamia y de otros parámetros genético- poblacionales en los animales.

Se obtuvo un buen porcentaje de animales conocidos, sin embargo para la cantidad de población, es un porcentaje alto y muy considerable de registros desconocidos.

En cuanto a la población endogámica se encontró una cantidad baja de animales endogámicos de los cuales la mayoría se concentró en el primer nivel de consanguinidad y 8 en el nivel más alto, de estos animales, son 5 machos y 3 hembras de 3 a 4 años de edad, lo que nos indica que son animales que aún les queda 1 a 6 años más de vida reproductiva. De esta manera, resulta muy conveniente tomar en cuenta este resultado y así tomar las mejores decisiones a la hora de la selección de cruza. Por lo que se recomienda seguir estudiando los niveles de consanguinidad para el manejo de selección de animales productores.

En el análisis del efecto de la endogamia en las características medidas no se obtuvieron resultados estadísticamente significativos, con excepción de peso al destete mostrando aquí un efecto de heterosis, lo que nos impulsa a seguir estudiando esta población de animales, incluyendo algunos otros parámetros que puedan ser de utilidad para comprobar los resultados que se obtuvieron. Esto muestra la importancia sobre el control de la endogamia. De acuerdo con lo encontrado en este análisis y lo ya reportado por diferentes autores en diferentes especies animales, tanto domésticos como silvestres, debemos mantener y hacer ver lo importante que es, realizar constantemente este tipo de estudios en las poblaciones animales y sobre todo en animales productivos y en peligro

de extinción, para el bienestar de las especies y el crecimiento productivo y económico de las diferentes explotaciones ganaderas.

9 BIBLIOGRAFIA

1. AMB (Asociación Mexicana de criadores de ganado Beefmaster, AC), 2015, <http://www.beefmaster.org.mx/raza.html>/(consultada en Noviembre del 2015).
2. Benjumea, M.; F., Cristancho; A., Restrepo, Coeficiente de consanguinidad del ganado Senepol en Colombia, ACCS., pp.2-3, 2010, Agosto26.
3. Boichard, D., L. Maignel, and E. Verrier. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetic Selection Evolution* 29: 5-23.
4. Boldman, K.G., Kriese, L.A., Van Vleck, L.D., Van Tassell, C.P. and Kachman, S.D. 1995. A Manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances (Draft). USDA. ARS. 114 pp.
5. Carolino, N., Gama, L.T., 2008. Inbreeding depression on beef cattle traits: estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. *Genet. Sel. Evol.* 40, 511–527.
6. Carrillo, J. A. , and F. Siewerdt . 2010. Consequences of long-term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. *J. Anim. Sci.* 88:87–95.
7. Davis, M.E. and Simmen, R.C.M. 2010. Estimates of inbreeding depression for serum insulin-like growth factor I concentrations, body weights, and body weight gains in Angus beef cattle divergently selected for serum insulin-like growth factor I concentration. *J Anim Sci*, 88: 552-561.
8. Domínguez Viveros, J., Rodríguez Almeida, F.A., Núñez Domínguez, R.,Ramírez Valverde, R., Ortega Gutierrez, J.A. y Ruíz Flores, A. 2010. Análisis del pedigrí y efectos de la consanguinidad en el comportamiento del ganado de lidia mexicano, *Archivos de zootecnia* 59 (225): 63-7.
9. Domínguez-Viveros, Joel; Rodríguez-Almeida, Felipe Alonso; Ortega-Gutiérrez, Juan Ángel; Santellano-Estrada, Eduardo Análisis de la información genealógica y estimación de parámetros de poblaciones en bovinos de lidia y equinos de pura raza española de México *Revista Científica*, vol. XXII, núm. 5, septiembre-octubre, 2012, pp. 443-450.
10. E.A., Barros; L.H. de A., Brasil; J.P.,Tejero; J.V., Delgado-Bermejo; M.N., Ribeiro. (2017). Population structure and genetic variability of the Segureña sheep breed through

- pedigree analysis and inbreeding effects on growth traits. Elsevier Small Ruminant Research, 149, 128-133.
11. Falconer, D. S., y T. F. C. Mackay. 1996. Introducción a la Genética Cuantitativa. Ed. Acribia, S. A. Zaragoza, España. 469 p.
 12. Gama, L.T.; Bressan, M.C.; Rodrigues, E.C.; Rossato, L.V.; Moreira, O.C.; Alves, S.P.; Bessa, R.J. 2013. Heterosis for meat quality and fatty acid profiles in crosses among *Bos indicus* and *Bos taurus* finished on pasture or grain. Rev Meat Science 93:98-104.
 13. Gipson, T.A., 2002. Preliminary observations: inbreeding in dairy goats and its effects on milk production. In: Proc. 17th Ann. Goat Field Day, pp. 51–56.
 14. Goyache, F.; Fernández, I.; Espinosa, M.A.; Payeras, L.; Pérez-Pardal, L.; Gutiérrez, J.P.; Royo, L.J.; Álvarez, I. Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. v.106, p.3-14, 2010.
 15. Grijalva-Chon, J., Izaguirre-Castro, O., Castro-Longoria, R., López-Torres, M., & Hoyos-Chairez, F. (2013). VARIABILIDAD GENÉTICA EN ADN MICROSATÉLITE DE UN NUEVO LINAJE DE OSTIÓN (*Crassostrea gigas*) EN SONORA. *Biotechnia*, 15(1), 12-18.
 16. Gutiérrez, J.P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J., Piedrafita, J., 2003. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. Genet. Sel. Evol. 35, 43-64.
 17. Gutiérrez, J., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J. and Piedrafita, J. (2003). Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. Genetics Selection Evolution, 35(1), pp.43-63.
 18. Gutiérrez, J.P. and Goyache, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysis pedigree information. J. Anim. Breed. Genet., 122: 172-176.
 19. Gutiérrez, J.P. and Goyache, F. 2006. A note on ENDOG: a computer program for analysis pedigree information. J. Anim. Breed. Genet., p30.
 20. Jay L. Lush, Importance of Family Structure in the Dairy Cattle Population¹, In Journal of Dairy Science, Volume 51, Issue 2, 1968, Pages 296-306.
 21. João Cruz Reis Filho¹, Rui da Silva Verneque², Robledo de Almeida Torres³, Paulo Sávio Lopes³, Fernanda Santos Silva Raidan⁴, Fabio Luiz Buranelo Toral⁵. (2015). Inbreeding on productive and reproductive traits of dairy Gyr cattle. Revista Brasileira de Zootecnia, 44(5), 174-179.

22. Joel Ira Weller. (2009). Quantitative Trait Loci Analysis in Animals. UK: CABI.,p124.
23. Kjollerström HJ, Gama LT, Oom MM, 2015: Impact of inbreeding on fitnessrelated traits in the highly threatened Sorraia horse breed. *Livestock Sci* 180, 84–89.
24. Maignel, L., Boichard, D., Verrier, E., 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin* 14, 49–54.
25. Meuwissen, THE & W. Luo, Z. (1992). Computing inbreeding coefficient in large populations. *Genetics Selection Evolution*.
26. Mokhtari, M. S., Moradi Shahrabak, M., Esmailizadeh, A. K., Abdollahi-Arpanahi, R. and Gutierrez, J. P. 2013. Genetic Diversity in Kermani Sheep Assessed from Pedigree Analysis. *Small Rumin. Res.*, 114: 202-205.
27. Northcutt., S.;Buchanan., D.; Clutter., A. Inbreeding in Cattle, Oklahoma Cooperative Extension Service., p.4, 2006, Noviembre 10.
28. Pjontek, J., Kadlečík, O., Kasarda, R. & Horný, M. Pedigree analysis in four Slovak endangered horse breeds. *Czech Journal of Animal Science*, 2012, roč. 57, s. 54-64.
29. Ralls, K.; Frankham, R.; Ballou, J. 2013. *Inbreeding and Outbreeding*. Encyclopedia of Biodiversity 2. Ed. Oxford, UK.
30. Santana Jr., M. L., P. S. Oliveira, J. P. Eler, J. P. Gutiérrez, and J. B. S. Ferraz. 2012. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. *Journal of Animal Science* 90: 99-108.
31. Sevinga M., Vrijenhoek T., Hesselink J.W., Barkema H.W., Groen A.F. (2004) Effect of inbreeding on the incidence of retained placenta in Friesian horses. *J. Anim. Sci.*, 82, 982–986.
32. Shengchao Dai, Caixia Wang, Zhiying Wang, Zhixin Wang, Yanjun Zhang, Qing Na, Jinquan Li, Ruijun Wang, Inbreeding and its effects on fleece traits of Inner Mongolia cashmere goats, In *Small Ruminant Research*, Volume 128, 2015, Pages 50-53.
33. Wright, S. 1969. *Evolution and the Genetics of Populations*. Vol. 2: The Theory of Gene Frequencies. University of Chicago Press. Chicago, USA. 511 p.
34. Wright,S. 1977. *Evolution and the Genetics of Populations*, Vol. 3. Experimental Results and Evolutionary Deductions. University of Chicago Press, Chicago.
35. Yang R. (1998) Line-breeding schemes for combinatorial optimization. In: Eiben A.E., Bäck T., Schoenauer M., Schwefel HP. (eds) *Parallel Problem Solving from*

Nature — PPSN V. PPSN 1998. Lecture Notes in Computer Science, vol 1498.
Springer, Berlin, Heidelberg.